

Rec'd PCT/PTO 14 MAR 2005

10/019543

PCT/JP 01/04158

日 本 国 特 許 庁
JAPAN PATENT OFFICE

14.06.01

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office

出 願 年 月 日
Date of Application:

2001年 1月25日

REC'D 03 AUG 2001

WIPO PCT

出 願 番 号
Application Number:

特願2001-016929

出 願 人
Applicant(s):

鐘淵化学工業株式会社

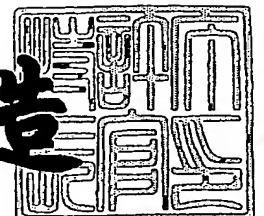
BEST AVAILABLE COPY

PRIORITY
DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

2001年 7月 6日

特 許 庁 長 官
Commissioner,
Japan Patent Office

及 川 耕 造



出証番号 出証特2001-3063503

【書類名】 特許願

【整理番号】 TKS-4370

【提出日】 平成13年 1月25日

【あて先】 特許庁長官殿

【国際特許分類】 C12N 15/63
C12N 15/81
C08L101/16

【発明者】

【住所又は居所】 兵庫県神戸市垂水区塩屋町 6 - 3 1 - 1 7 三青荘

【氏名】 横溝 聡

【発明者】

【住所又は居所】 兵庫県明石市朝霧町 3 - 1 2 3 セゾン朝霧 3 0 4

【氏名】 福地 健

【発明者】

【住所又は居所】 岡山県岡山市大安寺東町 1 7 - 7

【氏名】 小坂田 史雄

【発明者】

【住所又は居所】 兵庫県西宮市大森町 1 1 - 3 3

【氏名】 松本 圭司

【発明者】

【住所又は居所】 東京都府中市栄町 1 - 3 1 - 1 0

【氏名】 高木 正道

【発明者】

【住所又は居所】 埼玉県大宮市プラザ 5 7 - 2

【氏名】 太田 明德

【特許出願人】

【識別番号】 000000941

【氏名又は名称】 鐘淵化学工業株式会社

【代表者】 武田 正利

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 005027

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 ポリエステルの合成に関与する酵素遺伝子

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 ポリエステルの合成に関与する酵素をコードする遺伝子であって、該酵素をコードする遺伝子内の遺伝暗号 C T G の少なくとも 1 つが T T A、T T G、C T T、C T C または C T A に変換された遺伝子。

【請求項 2】 ポリエステルの合成に関与する酵素をコードする遺伝子が細菌由来の遺伝子である請求項 1 記載の遺伝子。

【請求項 3】 細菌がアエロモナス・キャビエである請求項 2 記載の遺伝子。

【請求項 4】 アエロモナス・キャビエより単離された遺伝子がポリヒドロキシアルカン酸合成酵素または R 体特異的エノイル C o A ヒドラターゼである請求項 3 記載の遺伝子。

【請求項 5】 ポリヒドロキシアルカン酸合成酵素が配列番号 1 によって示される遺伝子配列である請求項 4 記載の酵素遺伝子。

【請求項 6】 R 体特異的エノイル C o A ヒドラターゼが配列番号 2 によって示される遺伝子配列である請求項 4 記載の酵素遺伝子。

【請求項 7】 請求項 2 記載の遺伝子を導入された酵母の形質転換体。

【請求項 8】 遺伝暗号 C T G がセリンに翻訳される請求項 7 記載の酵母の形質転換体。

【請求項 9】 酵母がアシクロコニディウム属、アンブロシオザイマ属、アルスロアスカス属、アルキシオザイマ属、アシュビア属、バブジェビア属、ベンシングトニア属、ボトリオアスカス属、ボトリオザイマ属、ブレッタノマイセス属、ビュレラ属、ビュレロマイセス属、キャンディダ属、シテロマイセス属、クラビスポラ属、クリプトコッカス属、シストフィロバシディウム属、デバリオマイセス属、デッケラ属、ディポダスコブシス属、ディポダスカス属、エニエラ属、エンドマイコブセラ属、エレマスカス属、エレモセシウム属、エリスロバシディウム属、フェロマイセス属、フィロバシディウム属、ガラクトマイセス属、ゲオトリクム属、ガイラーモンデラ属、ハンセニアスポラ属、ハンセヌラ属、ハセガワエア属、ホルターマンニア属、ホルモアスカス属、ハイフォピキア属、イ

サットヘンキア属, クロエケラ属, クロエケラスポラ属, クルイベロマイセス属, コンドア属, クライシア属, クルツマノマイセス属, ロイコスポリディウム属, リポマイセス属, ロデロマイセス属, マラセジア属, メトシュニコウシア属, ムラキア属, マイクソザイマ属, ナドソニア属, ナカザワエア属, ネマトスポラ属, オガタエア属, オースポリディウム属, パチソレン属, ファチコスポラ属, ファフィア属, ピキア属, ロドスポリディウム属, ロドトルラ属, サッカロマイセス属, サッカロマイコーデス属, サッカロマイコブシス属, サイトエラ属, サカグチア属, サターノスポラ属, シゾブラストスポリオン属, シゾサッカロマイセス属, シュワニオマイセス属, スポリディオボラス属, スポロボロマイセス属, スポロパキデミア属, ステファノアスカス属, ステリグマトマイセス属, ステリグマトスポリディウム属, シンビオタフリナ属, シンポディオマイセス属, シンポディオマイコブシス属, トルラスポラ属, トリコスポリエラ属, トリコスポロン属, トリゴノプシス属, ツチヤエア属, ウデニオマイセス属, ワルトマイセス属, ウィカーハミア属, ウィカーハミエラ属, ウィリオブシス属, ヤマダザイマ属, ヤロウシア属, ザイゴアスカス属, ザイゴサッカロマイセス属, ザイゴウィリオブシス属又はザイゴザイマ属のいずれかである請求項 7 又は 8 記載の酵母の形質転換体。

【請求項 1 0】 酵母がキャンディダ属、ヤロウシア属、クルイベロマイセス属、ハンゼヌラ属のいずれかである請求項 7 又は 8 記載の酵母の形質転換体。

【請求項 1 1】 酵母がキャンディダ属である請求項 7 又は 8 記載の酵母の形質転換体。

【請求項 1 2】 酵母がキャンディダ・マルトーサである請求項 1 1 記載の酵母の形質転換体。

【発明の詳細な説明】

【0 0 0 1】

【発明の属する技術分野】

本発明は、共重合ポリエステルを酵素合成するために必要な遺伝子に関する。詳しくは、自然環境（土中、河川、海中）の下で、微生物の作用を受けて分解するプラスチック様高分子を酵素合成する宿主内で機能する遺伝子に関するものである。

る。

【0002】

【従来の技術】

現在までに数多くの微生物において、エネルギー貯蔵物質としてポリエステルを菌体内に蓄積することが知られている。その代表例としては3-ヒドロキシ酪酸（以下3HBと略す）のホモポリマーであるポリ-3-ヒドロキシ酪酸（以下、P（3HB）と略す）であり、1925年にバシラス・メガテリウム（*Bacillus megaterium*）で最初に発見された。P（3HB）は熱可塑性高分子であり、自然環境中で生物的に分解されることから、環境にやさしいグリーンプラスチックとして注目されてきた。しかし、P（3HB）は結晶性が高いため、硬くて脆い性質を持っていることから実用的には応用範囲が限られる。この為、この性質の改良を目的とした研究がなされてきた。

【0003】

その中で、特開昭57-150393号公報および特開昭59-220192号公報などに3-ヒドロキシ酪酸（3HB）と3-ヒドロキシ吉草酸（3HV）とからなる共重合体（以下P（3HB-co-3HV）と略す）の製造方法が開示されている。このP（3HB-co-3HV）はP（3HB）に比べると柔軟性に富むため、幅広い用途に応用できると考えられた。しかしながら、実際のところP（3HB-co-3HV）は3HVモル分率を増加させても、それに伴う物性の変化が乏しく、特にフィルムなどに使用するのに要求される柔軟性が向上しないため、シャンプーボトルや使い捨て剃刀の取っ手など硬質成型体の分野にしか利用されなかった。

【0004】

近年、3HBと3-ヒドロキシヘキサン酸（以下、3HHと略す）との2成分共重合ポリエステル（以下P（3HB-co-3HH）と略す）およびその製造方法について研究がなされた。たとえば、特開平5-93049号公報および特開平7-265065号公報にそれぞれ記載されている。これらの公報のP（3HB-co-3HH）の製造方法は、土壌より単離されたアエロモナス・キャビエ（*Aeromonas caviae*）を用いてオレイン酸等の脂肪酸やオリ

ーブオイル等の油脂から発酵生産するものであった。また、P (3HB-co-3HH) の性質に関する研究もなされている (Y. Doi, S. Kitamura, H. Abe, *Macromolecules* 28, 4822-4823 (1995))。この報告では炭素数が12個以上の脂肪酸を唯一の炭素源として*A. caviae*を培養し、3HHが11~19mol%のP (3HB-co-3HH)を発酵生産している。このP (3HB-co-3HH)は3HHモル分率の増加にしたがって、P (3HB)の硬くて脆い性質から次第に柔軟な性質を示すようになり、P (3HB-co-3HV)を上回る柔軟性を示すことが明らかにされた。しかしながら、本製造方法では菌体生産量4g/L、ポリマー含量30%でありポリマー生産性が低いことから、実用化に向け更に高い生産性が得られる方法が探索された。

【0005】

P (3HB-co-3HH)を生産するアエロモナス・キャビエ (*A. caviae*)よりPHA (ポリヒドロキシアルカン酸)合成酵素遺伝子がクローニングされた (T. Fukui, Y. Doi, *J. Bacteriol.*, vol. 179, No. 15, 4821-4830 (1997)、特開平10-108682)。本遺伝子をラルストニア・ユートロファ (*Ralstonia eutropha*、旧*Alcaligenes eutrophus*)に導入した形質転換株を用いてP (3HB-co-3HH)を生産を行った結果、菌体生産性は4g/L、ポリマー含量は30%であった。更に本形質転換株を炭素源として植物油脂を用いて培養した結果、菌体含量4g/L、ポリマー含量80%が達成された (T. Hukui等 *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 49, 333 (1998))。また、大腸菌等の細菌や植物を宿主としたP (3HB-co-3HH)の製造方法も開示されている (WO 00/43525)。しかし、本製造法による生産性は記載されていない。

【0006】

本ポリマーP (3HB-co-3HH)は3HHモル分率を変えることで、硬質ポリマーから軟質ポリマーまで幅広い物性を持つため、テレビの筐体などのように硬さを要求されるものから糸やフィルムなどのような柔軟性を要求されるも

のまで、幅広い分野への応用が期待できる。しかしながら、これらの製造方法では本ポリマーの生産性が依然として低く、本ポリマーの実用化に向けた生産方法としては未だ不十分といわざるを得ない。

【0007】

最近になって、菌体生産性の高い酵母を宿主とした生分解性ポリエステルの生産研究がLeafらによって行われた(Microbiology, vol. 142, pp1169-1180 (1996))。酵母の一種であるサッカロマイセス・セルビシエ(*Saccharomyces cerevisiae*)にラルストニア・ユートロファ(*R. eutropha*)のポリエステル合成酵素遺伝子を導入して形質転換体を作製し、グルコースを炭素源として培養することによってP(3HB)の蓄積(ポリマー含量0.5%)を確認している。しかし、本研究で生産されるポリマーは硬くて脆い性質を有するP(3HB)であった。

【0008】

酵母は増殖が早く菌体生産性が高いことで知られている。その中でもキャンディダ(*Candida*)属に属する酵母は過去Single Cell Proteinとして注目され、ノルマルパラフィン炭素源とした飼料用菌体生産が研究されてきた。また、近年キャンディダ(*Candida*)属の宿主ベクター系が開発され、遺伝子組換え技術を用いた物質生産が報告されている(化学と生物 vol. 38, No9, 614 (2000))。キャンディダ・ユーティリス(*Candida utilis*)を宿主とした α アミラーゼの生産性は約12.3gと高く、このように高い物質生産能力を有するキャンディダ(*Candida*)属は、ポリマー生産用宿主として期待される。さらに、細菌と比べて菌体と培養液との分離が容易であることから、ポリマーの抽出精製工程をより簡単にすることも可能である。

そこで、優れた物性を有するP(3HB-co-3HH)をキャンディダ(*Candida*)属酵母を用いて生産する方法が求められていた。

【0009】

【発明が解決しようとする課題】

本発明は、上記現状に鑑み、酵母で機能的かつ効率よく発現できるポリエステル合成に関与する遺伝子、即ち P (3HB-co-3HH) 等のポリエステル合成に関与する遺伝子を提供するものである。

【0010】

【課題を解決するための手段】

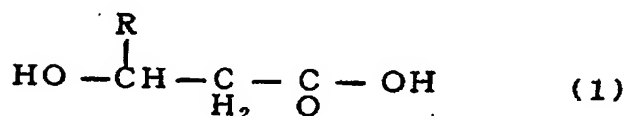
本発明は、酵母において効率よく機能するポリエステルの合成に関与する酵素遺伝子である。即ち、本発明はポリエステルの合成に関与する酵素をコードする遺伝子であって、該酵素をコードする遺伝子内の遺伝暗号 CTG の少なくとも 1 つが TTA、TTG、CTT、CTC または CTA に変換された遺伝子に関する。

【0011】

本発明者らは様々な検討を行った結果、下記一般式 (1) に示す 3-ヒドロキシアルカン酸を共重合してなるポリエステルの合成に関与する酵素遺伝子の一種以上のそれぞれに対して、酵母で実質的に遺伝子発現可能な新規遺伝子を作製した。同酵素遺伝子の一種以上のそれぞれに、酵母で実質的に機能するプロモーター、ターミネーターを連結することにより遺伝子発現カセットを作製し、さらに本遺伝子発現カセットを酵母に導入して形質転換株を作成し、本形質転換株を培養することにより、その培養物から下記一般式 (1) に示す 3-ヒドロキシアルカン酸を共重合してなるポリエステルを製造することに成功した。

【0012】

【化 1】



式中、R は、アルキル基を表す。

ここで、「実質的」とはポリエステル合成に関与する遺伝子配列は、遺伝子の機能並びに遺伝子発現に必要な機能を有する限り、当該遺伝子の塩基配列に欠失、置換、挿入等の変異が生じていてもよいものとする。

以下に、本発明の詳細を説明する。

【0013】

【発明の実施の形態】

(1) 宿主

使用する酵母にはCTG遺伝子暗号がセリンに翻訳される酵母であれば特に制限はなく、菌株の寄託機関（例えばIFO、ATCC等）に寄託されているアシクロコニディウム属（*Aciculiconidium*属）、アンブロシオザイマ属（*Ambrosiozyma*属）、アルスロアスカス属（*Arthroascus*属）、アルキシオザイマ属（*Arxiozyma*属）、アシュビア属（*Ashbya*属）、バブジェビア属（*Babjevia*属）、ベンシングトニア属（*Bensingtonia*属）、ボトリオアスカス属（*Botryoascus*属）、ボトリオザイマ属（*Botryozyma*属）、ブレッタノマイセス属（*Brettanomyces*属）、ビュレラ属（*Bullera*属）、ビュレロマイセス属（*Bulleromyces*属）、キャンディダ属（*Candida*属）、シテロマイセス属（*Citeromyces*属）、クラビスポラ属（*Clavispora*属）、クリプトコッカス属（*Cryptococcus*属）、シストフィロバシディウム属（*Cystofilobasidium*属）、デバリオマイセス属（*Debaryomyces*属）、デッケラ属（*Dekkara*属）、ディポダスコプシス属（*Dipodascopsis*属）、ディポダスカス属（*Dipodascus*属）、エニエラ属（*Eeniella*属）、エンドマイコプセラ属（*Endomycopseilla*属）、エレマスカス属（*Eremascus*属）、エリモセシウム属（*Eremothecium*属）、エリスロバシディウム属（*Erythrobasidium*属）、フェロマイセス属（*Fellomyces*属）、フィロバシディウム属（*Filobasidium*属）、ガラクトマイセス属（*Galactomyces*属）、ゲオトリクム属（*Geotrichum*属）、ガイラーモンデラ属（*Guilliermondella*属）、ハンセニアスポラ属（*Hanseniaspora*属）、ハンセヌラ属（*Hansenula*属）、ハセガワエア属（*Hasegawaea*属）、ホルターマンニア属（*Holtermannia*属）、ホルモアスカス属（*Hormoascus*属）、ハイフォピキア属（*Hyphopichia*属）、イサットヘンキア属（*I*

*ssatchenkia*属), クロエケラ属 (*Kloeckera*属), クロ
 エケラスポラ属 (*Kloeckeraspora*属), クルイベロマイセス属
 (*Kluyveromyces*属), コンドア属 (*Kondoa*属), クライ
 シア属 (*Kuraishia*属), クルツマノマイセス属 (*Kurtzman
 omyses*属), ロイコスポリディウム属 (*Leucosporidium*
 属), リボマイセス属 (*Lipomyces*属), ロデロマイセス属 (*Lod
 deromyces*属), マラセジア属 (*Malassezia*属), メトシ
 ユニコウイア属 (*Metschnikowia*属), ムラキア属 (*Mraki
 a*属), マイクソザイマ属 (*Myxozyma*属), ナドソニア属 (*Nads
 onia*属), ナカザワエア属 (*Nakazawaea*属), ネマトスポラ属
 (*Nematospora*属), オガタエア属 (*Ogataea*属), オース
 ポリディウム属 (*Oosporidium*属), パチソレン属 (*Pachys
 olen*属), ファチコスポラ属 (*Phachytichospora*属),
 ファフィア属 (*Phaffia*属), ピキア属 (*Pichia*属), ロドスポ
 リディウム属 (*Rhodosporidium*属), ロドトルラ属 (*Rhod
 otorula*属), サッカロマイセス属 (*Saccharomyces*属)
 , サッカロマイコーデス属 (*Saccharomycodes*属), サッカロ
 マイコプシス属 (*Saccharomycopsis*属), サイトエラ属 (*S
 aitoella*属), サカグチア属 (*Sakaguchia*属), サターノ
 スポラ属 (*Saturnospora*属), シゾブラストスポリオン属 (*Sc
 hizoblastosporion*属), シゾサッカロマイセス属 (*Sch
 izosaccharomyces*属), シュワニオマイセス属 (*Schwa
 nniomyces*属), スポリディオボラス属 (*Sporidiobolu
 s*属), スポロボロマイセス属 (*Sporobolomyces*属), スポロ
 パキデミア属 (*Sporopachydermia*属), ステファノアスカス
 属 (*Stephanoascus*属), ステリグマトマイセス属 (*Steri
 gmatomyces*属), ステリグマトスポリディウム属 (*Sterigm
 atosporidium*属), シンビオタフリナ属 (*Symbiotaph
 rina*属), シンポディオマイセス属 (*Sympodiomyces*属),

シンポディオマイコプシス属 (Sympodiomyopsis 属), トル
 ラスポラ属 (Torulaspora 属), トリコスポリエラ属 (Trich
 osporiella 属), トリコスポロン属 (Trichosporon 属
), トリゴノプシス属 (Trigonopsis 属), ツチヤエア属 (Tsu
 chiyaeea 属), ウデニオマイセス属 (Udeniomyces 属), ワ
 ルトマイセス属 (Waltomyces 属), ウィカーハミア属 (Wicke
 rhamia 属), ウィカーハミエラ属 (Wickerhamiella 属)
 , ウィリオプシス属 (Williopsis 属), ヤマダザイマ属 (Yama
 dazyma 属), ヤロウシア属 (Yarrowia 属), ザイゴアスカス属
 (Zygoascus 属), ザイゴサッカロマイセス属 (Zygosacch
 aromyces 属), ザイゴウィリオプシス属 (Zygowilliops
 is 属) 又は ザイゴザイマ属 (Zygozyma 属) などの酵母を使用するこ
 とができる。

これらの酵母の中でも、高密度での連続培養による効率的な菌体製造及び、物質
 生産が可能である点で、キャンディダ属、ヤロウシア属、クルイベロマイセス属
 、ハンゼヌラ属などが好ましく、特に宿主-ベクター系の研究が進んでおり、簡
 便に系が利用できること、また直鎖炭化水素や油脂などの資化能力が高い点でキ
 ャンディダ属酵母が好ましい。

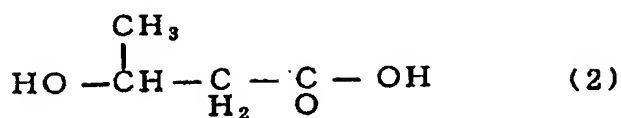
【0014】

(2) ポリエステル合成に関与する酵素並びに遺伝子

ポリエステル合成に関与する酵素としては特に限定されないが、上記一般式 (1) で示される 3-ヒドロキシアルカン酸を共重合してなるポリエステルの合成
 に関与する酵素が好ましく、下記式 (2) で示される 3-ヒドロキシ酪酸と下記
 式 (3) で示される 3-ヒドロキシヘキサン酸とを共重合してなる共重合ポリエ
 ステル P (3HB-co-3HH) の合成に関与する酵素であることがより好ま
 しい。

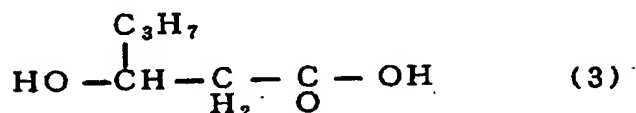
【0015】

【化2】



【0016】

【化3】



上記一般式(1)で示される3-ヒドロキシアルカン酸を共重合してなるポリエステル合成に参与する酵素としては特に限定されず、例えば特開平10-108682号公報に記載されているポリエステル合成酵素を用いることができる。上記ポリエステル合成酵素としては、例えば、ポリヒドロキシアルカン酸(PHA)合成酵素があげられる。また、本ポリエステル合成酵素と共にポリエステル合成に参与する酵素を用いても良い。これらの酵素としては、たとえば、β酸化経路の中間体のエノイルCoAをモノマーである(R)-3-ヒドロキシアシルCoAに変換する(R)体特異的エノイルCoAヒドラターゼ(T. Fukui, et al FEMS Microbiology Letters, vol. 170, 69-75 (1999))や、アセチルCoAを二量化してモノマーである3-ヒドロキシブチリルCoAを合成するβケトチオラーゼ・NADPH依存性アセトアセチルCoA還元酵素(Peoples OP, et al J. Biol. Chem. 264 (26) 15298-15303 (1989))などが挙げられる。

【0017】

前記宿主酵母の中には遺伝暗号読みとりに異常を示す場合がある。例えばキャンディダ・シリンドラセア(Candida cylindracea)(Y. Kawaguchi et al, Nature 341 164-166 (1989))やキャンディダ・マルトーサ(Candida maltosa)(H. Sugiyama et al, Yeast 11 43-52 (1995))

)) では遺伝暗号CTGが、ロイシンではなくセリンに翻訳される酵母である。このような酵母において、当該酵母以外の生物由来ポリエステル合成に関与する酵素遺伝子を発現させる場合、遺伝暗号の読みとり異常が生じることから、当該酵素のアミノ酸配列の異なった酵素が生産されることがある。その結果、当該酵素の機能が十分発揮できない恐れが生ずる可能性がある。

【0018】

このような問題は、予め遺伝子内に含まれる遺伝暗号CTGの少なくとも一つをロイシンに対応する他の遺伝暗号(TTA, TTG, CTT, CTC, CTA)に変換した遺伝子を使用することによって解決することができる。変換するロイシンに対応する他の遺伝暗号に制限はないが、導入する遺伝子の翻訳効率を考慮すると、遺伝子導入する宿主酵母において、使用頻度の高い遺伝暗号に変換することが好ましい。例えば、キャンディダ・マルトーサにおいては、遺伝暗号CTGをTTA, TTGのいずれかに変換することが望ましく、最も好適にはTTGに変換することが望ましい。

【0019】

また、遺伝子を構成する遺伝暗号使用頻度は、生物によって偏りが見られる。すなわち、トリプトファンとメチオニン以外のアミノ酸では、当該アミノ酸に対応する複数の遺伝暗号が存在するが、遺伝暗号使用頻度に各生物特有の偏りが見られる。キャンディダ・マルトーサでは、例えばアラニンに対応する遺伝暗号はGCT, GCC, GCA, GCGであるが、最も高頻度に遺伝子を構成する遺伝暗号はGCTである。このように複数ある同一アミノ酸を指定する遺伝暗号のうち使用される遺伝暗号は生物によって偏りが認められ、使用頻度の高い遺伝暗号から成る遺伝子の翻訳効率が高いことが指摘されている。例えばアエロモナス・キャピエのPHA合成酵素遺伝子や(R)体特異的エノイルCoAヒドラーゼ遺伝子のGC含量はそれぞれ67.16%、65.77%であるが、キャンディダ・マルトーサで現在までに報告されている酵素、例えばホスホグリセリン酸キナーゼでは39.55%またALK2-Aでは35.67%である。このように遺伝暗号使用頻度の偏りの結果、遺伝子のGC含量が変化する。したがって、例えばポリエステル合成に関与する遺伝子をキャンディダ・マルトーサにおい

て効率よく発現させるためには、前記の遺伝暗号CTGを他のロイシン対応遺伝暗号に変化することに加えて、キャンディダ・マルトーサにおいて使用頻度の高い遺伝暗号に変更した当該遺伝子を使用することが好ましい。キャンディダ・マルトーサにおける遺伝暗号使用頻度に関してはKlaus Wolf編集のNonconventional Yeasts in Biotechnology (Springer出版)において記載されている。アラニンに対応する遺伝暗号はGCTが好ましく、アルギニンではAGA、アスパラギンではAACまたはAAT、アスパラギン酸ではGAT、システインではTGT、グリシンではGGT、グルタミンではCAA、グルタミン酸ではGAA、ヒスチジンではCACまたはCAT、イソロイシンではATT、ロイシンではTTGまたはTTA、リジンではAAA、フェニルアラニンではTTCまたはTTT、プロリンではCCA、セリンではTCT、スレオニンではACT、チロシンではTATまたはTAC、バリンではGTTがそれぞれ好ましいが、特にこれらの遺伝暗号に制限されない。一例として、キャンディダ・マルトーサを宿主とした場合、本ポリエステル合成に関与する遺伝子として配列番号1で示されるポリヒドロキシアルカン酸(PHA)合成酵素遺伝子、配列番号2で示されるR体特異的エノイルCoAヒドラターゼ遺伝子を利用することができる。

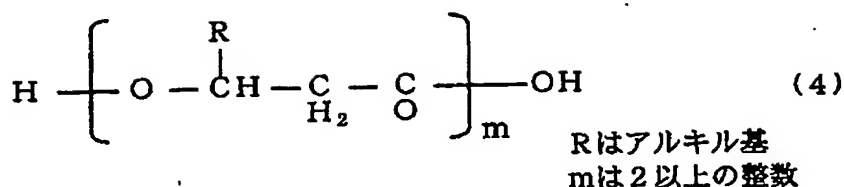
これらの遺伝子は実質的な酵素活性を有する限り、当該遺伝子の塩基配列に欠失、置換、挿入等の変異が生じていてもよいものとする。

【0020】

また、上記PHA合成酵素によって合成されるポリエステルは、上記一般式(1)で示される3-ヒドロキシアルカン酸を共重合してなるものであり、下記一般式(4)に示される。より好ましい態様においては、上記式(2)で示される3-ヒドロキシ酪酸と上記式(3)で示される3-ヒドロキシヘキサン酸とを共重合してなる共重合ポリエステルP(3HB-co-3HH)であり、下記一般式(5)に示される。

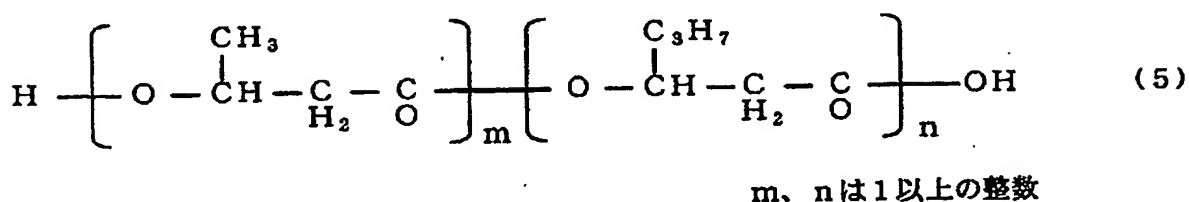
【0021】

【化4】



【0022】

【化5】



(3) 遺伝子発現カセットの構築

酵母における遺伝子発現のためには、当該遺伝子の5'上流にプロモーター、UAS等のDNA配列の連結、当該遺伝子の3'下流にポリA付加シグナル、ターミネーター等のDNA配列の連結が必要である。これらのDNA配列は酵母で機能する配列であればどのような配列でも利用できる。プロモーターには構成的に発現を行うものや誘導的に発現を行うものがあるが、いずれのプロモーターも用いてもよい。

【0023】

また、本発明の形質転換体においては、上記プロモーター、ターミネーターが、キャンディダ・マルトーサで機能するものであることが好ましく、上記プロモーター、ターミネーターがキャンディダ・マルトーサ由来であることが好ましい。より好ましくは、キャンディダ・マルトーサのALK1由来のプロモーター、ALK1由来のターミネーターを利用する。

【0024】

本発明の形質転換体に用いられる遺伝子発現カセットは一例として、次のように構築することができる。

構築に用いられるベクターは、大腸菌において自立増殖するプラスミドであればどのようなベクターでもよく、更に酵母において自立増殖可能な領域を合わせ持

っていてもよい。酵母において自立増殖できるベクターでは、菌体内に保持される。また、遺伝子発現カセットを染色体上に組み込むこともできる。一例としてキャンディダ・マルトーサにおいて自立増殖可能なpUTU1を用いることができる (M. Ohkuma, et al J. Biol. Chem., vol. 273, 3948-3953 (1998))。

【0025】

本発明の形質転換体においては、ポリエステルの合成に関与する遺伝子がアエロモナス・キャビエ (*Aeromonas caviae*) 由来の酵素と同じアミノ酸配列をコードする遺伝子であることが好ましく、例えば、アエロモナス・キャビエの由来のPHA合成酵素アミノ酸配列と同じアミノ酸配列をキャンディダ・マルトーサにおいてコードする遺伝子 (以下ORF2と略す) (配列番号1)、または、ORF2及び β 酸化経路の中間体のエノイルCoAをモノマーである(R)-3-ヒドロキシアシルCoAに変換する(R)-体特異的エノイルCoAヒドラーゼと同じアミノ酸配列をキャンディダ・マルトーサにおいてコードする遺伝子 (以下ORF3と略す) (配列番号2) が好適に用いられる。(T. Fukui, et al FEMS Microbiology Letters, vol. 170, 69-75 (1999))

これらの構造遺伝子のそれぞれ5'上流にキャンディダ・マルトーサのAlk1遺伝子のプロモーターALK1p (配列番号3)、ターミネーターALK1t (配列番号4) (GenBank D00481) (M. Takagi, et al Agric. Biol. Chem., vol. 5, 2217-2226 (1989)) を連結することができる。

【0026】

プロモーターおよびターミネーターと構造遺伝子を連結するための制限酵素部位を作成するためには、PCR法が利用できる。PCRに用いるプライマー配列は (配列番号5) から (配列番号8) に示す。PCRの条件は目的遺伝子断片が増幅できればどのような条件を用いてもよい。

【0027】

プロモーター部分は配列番号3を鋳型にして配列番号5と配列番号6を用いて

、5'末端がSal I、3'末端がNde IのALK1pを作製することができる。ターミネーター部分は配列番号4を鋳型にして配列番号7と配列番号8を用いて、5'末端がHind III、3'末端がEcoRVのALK1tを作製することができる。ベクターにはpUTU1とキャンディダ・マルトーサのAde1遺伝子配列番号9 (GenBank D00855) (S. Kawai, et al, Agric. Biol. Chem., vol. 55, 59-65 (1991))を用いて、マーカー遺伝子をウラシルからアデニンに変更したベクターpUTA1 (図1)を使用することができる。pUCNT (WO94/03613に記載)のPvu II、Nde IサイトにALK1tを結合し、またpUCNTのHind III、Ssp IサイトにALK1tを結合してpUAL1 (図2)を構築することができる。次にpUAL1のNde I、Pst IサイトにORF2を結合し、プラスミドpUAL-ORF2 (図3)を構築することができる。また、pUAL1を構築する途中に構築するpUCNT-ALK1tのNde I、Hind IIIサイトにORF3を結合し、さらにALK1pを結合することで、pUAL-ORF3 (図4)を構築することができる。

【0028】

つぎに、プラスミドpUAL-ORF2からEcoT22Iを用いて、ORF2とともに上流にあるプロモーター、下流にあるターミネーターを一緒に切り出し、pUTA1のPst Iサイトに結合し、pUTA-ORF2を構築することができる。さらに、pUAL-ORF3からSal Iを用いてORF3とともに上流にあるプロモーター、下流にあるターミネーターを一緒に切り出し、pUTA-ORF2のSal Iサイトに結合したプラスミドpUTA-ORF23 (図5)を構築することができる。以上の方法により、酵母キャンディダ・マルトーサにおいて上記一般式(1)で示されるアルカン酸を共重合してなるポリエステルを製造するための遺伝子発現カセットを構築することができる。

【0029】

(4) 形質転換体の作製

酵母にポリマー合成に関与する遺伝子発現カセット組換えベクターを導入するためには、公知の方法により行うことができる。例えば、カルシウム法 (Led

erberg. E. M. et al., J. Bacteriol. 119. 1072 (1974)) やエレクトロポレーション法 (Current Protocols in Molecular Biology, 1巻, 1. 8. 4頁, 1994年) 等を用いることができる。また、Fast TrackTM-Yeast Transformation Kit_{SM} (Geno Technology) のような市販の形質転換キットを利用することもできる。

一例として宿主として、キャンディダ・マルトーサ CHA1株 (S. Kawai, et al., Agric. Biol. Chem., vol. 55, 59-65 (1991)) を用いることができる。本菌株に上記の形質転換法を用いてポリマー合成に関与する遺伝子発現カセットを形質転換し、pUTA-ORF23を有するキャンディダ・マルトーサ PHA1株を作製することができる。

【0030】

(5) ポリエステルの製造

本発明のポリエステルの製造方法では、本発明の形質転換体を培養して得られる培養物から、ポリエステルを採取する。

【0031】

本発明の形質転換体を培養することによるポリエステルの製造は、次のようにして行うことができる。培養に用いる炭素源としては、酵母が資化できるものであればどのようなものでもよい。また、プロモーターの発現が誘導型である場合には、適時誘導物質を添加すればよい。誘導物質が主要炭素源である場合もある。炭素源以外の栄養源としては窒素源、無機塩類、その他の有機栄養源を含む培地が使用できる。培養温度はその菌の生育可能な温度であればよいが、20℃から40℃好ましい。培養時間には特に制限はないが、1～7日程度で良い。その後、得られた該培養菌体又は培養物からポリエステルを回収すればよい。

【0032】

炭素源としてはグルコース、グリセリン、シュクロース等の炭水化物や油脂類や脂肪酸類さらにはn-パラフィン等を用いることができる。油脂としては、例えばナタネ油、ヤシ油、パーム油、パーム核油などが挙げられる。脂肪酸としてはヘキサン酸、オクタン酸、デカン酸、ラウリン酸、オレイン酸、パルミチン

酸、リノール酸、リノレン酸、ミリスチン酸などの飽和・不飽和脂肪酸、あるいはこれら脂肪酸のエステルや塩など脂肪酸誘導体が挙げられる。一例として *C. maltosa* の培養において、炭素源として油脂を用いて培養することもできる。また、油脂を資化ができないかまたは効率よく資化できない酵母では、培地中にリパーゼを添加することによって改善することもできる。さらに、リパーゼ遺伝子を形質転換することにより、油脂資化能を付与することもできる。

また、炭素源として奇数の炭素鎖を有する脂肪酸や n -パラフィン等を用いた場合、上記一般式(1)で示される 3-ヒドロキシアルカン酸を共重合してなるポリエステルの炭素鎖に奇数成分の割合を高めることができる。

【0033】

窒素源としては、例えばアンモニア、塩化アンモニウム、硫酸アンモニウム、リン酸アンモニウム等のアンモニウム塩の他、ペプトン、肉エキス、酵母エキスなどが挙げられる。無機塩類としては、例えばリン酸第一カリウム、リン酸第二カリウム、リン酸マグネシウム、硫酸マグネシウム、塩化ナトリウムなどが挙げられる。

【0034】

その他の有機栄養源としてはアミノ酸類、例えばグリシン、アラニン、セリン、スレオニン、プロリンなどや、ビタミン類、例えばビタミンB1、ビタミンB12、ビオチン、ニコチン酸アミド、パントテン酸、ビタミンC等が挙げられる。本発明において、ポリエステルの菌体からの回収は例えば、次のような方法が使用できる。培養終了後、培養液を遠心分離器などで菌体を分離し、その菌体を蒸留水およびメタノール等により洗浄した後、乾燥させる。この乾燥菌体をクロロホルム等の有機溶剤を用いてポリエステルを抽出する。このポリエステルを含んだ有機溶剤溶液を濾過等によって菌体成分を除去し、そのろ液にメタノールやヘキサン等の貧溶媒を加えてポリエステルを沈殿させる。沈殿したポリエステルを濾過や遠心分離によって上澄み液を除去し、乾燥させてポリエステルを回収することができる。

得られたポリエステルの分析は、例えば、ガスクロマトグラフ法や核磁気共鳴法などにより行う。

【0035】

本発明のポリエステルの製造方法は、上述のような構成からなるので、上記一般式(1)で示される3-ヒドロキシアルカン酸を共重合してなるポリエステルを生産性良く製造することができる。

また、上述したプラスミドpUTA-ORF23を有するキャンディダ・マルトーサ組み換え株を作製し、培養する方法により、上記一般式(2)で示される3-ヒドロキシ酪酸と上記一般式(3)で示される3-ヒドロキシヘキサン酸とを共重合してなる共重合ポリエステルP(3HB-co-3HH)を製造することができる。

【0036】

【実施例】

以下、実施例により本発明をさらに具体的に説明する。ただし、本発明は、これら実施例にその技術範囲を限定するものではない。

【0037】

(実施例1) ポリエステル合成に関与する遺伝子の設計と合成

ポリエステル合成に関与する酵素遺伝子として、アエロモナス・キャピエの由来のPHA合成酵素と、 β 酸化経路の中間体のエノイルCoAをモノマーである(R)-3-ヒドロキシアシルCoAに変換する(R)体特異的エノイルCoAヒドラターゼ(T. Fukui, et al. FEMS Microbiology Letters, vol. 170, 69-75 (1999))のアミノ酸配列をもとに、当該酵素遺伝子を合成した。

【0038】

キャンディダ・マルトーサはCTGコドンをロイシンではなくセリンに翻訳する酵母である。このため、ロイシンコドンにはCTGを割り当てなかった。各アミノ酸に対応するコドンはキャンディダ・マルトーサにおいて使用頻度の高いコドンを優先的に選択した。コドンの使用頻度はKlaus Wolf著のNon conventional Yeast in Biotechnology (Springer出版)を参考にした。

【0039】

遺伝子の設計は次のようにして行った。アエロモナス・キャビエの由来のP
HA合成酵素と、 β 酸化経路の中間体のエノイルCoAをモノマーである(R)
-3-ヒドロキシアシルCoAに変換する(R)体特異的エノイルCoAヒドラ
ターゼのそれぞれのDNA配列とアミノ酸配列をもとに、各アミノ酸に対応する
最適コドン割り当てた。メチオニン、トリプトファンはそれぞれATG、TGG
を割り当てた。フェニルアラニンではTTTとTTCを交互に割り当てた。ロ
イシンではアエロモナス・キャビエDNA配列におけるCTCをTTA、CTG
をTTG、CTTをTTGにそれぞれ変換し、TTA、TTGはそのまま用いた。イ
ソロイシンではアエロモナス・キャビエDNA配列におけるATCをATT、
ATAをATCにそれぞれ変換し、ATTはそのまま用いた。バリンではア
エロモナス・キャビエDNA配列におけるGTGをGTT、GTAをGTTに
それぞれ変換し、GTC、GTTはそのまま用いた。セリンではアエロモナ
ス・キャビエDNA配列におけるAGCをTCT、TCAをTCT、TCGをTCT
にそれぞれ変換し、TCC、TCTはそのまま用いた。プロリンでは対応す
るコドンすべてCCAに変換した。スレオニンではアエロモナス・キャビエ
DNA配列におけるACCをACT、ACGをACC、ACAをACCにそれぞれ
変換し、ACTはそのまま用いた。アラニンではアエロモナス・キャビエ
DNA配列におけるGCCをGCT、GCGをGCC、GCAをGCTにそれぞれ変換
し、GCTはそのまま用いた。チロシンではアエロモナス・キャビエDNA
配列におけるチロシンコドンに対してTATとTACを交互に割り当てた。終
止コドンはTAAを用いた。ヒスチジンではアエロモナス・キャビエDNA
配列におけるヒスチジンのコドンに対してCATとCACを交互に割り当て
た。グルタミンでは対応するコドンすべてCAAに変換した。アスパラギ
ンでは対応するコドンすべてAATとAACを交互に割り当てた。リジンで
はコドンのすべてAAAに変換した。アスパラギン酸では対応するコド
ンすべてGATに変換した。グルタミン酸では対応するコドンのすべて
GAAに変換した。システインでは対応するコドンのすべてTGTに変換
した。アルギニンでは対応するコドンのすべてAGAに変換した。グリ
シンでは対応するコドンのすべてGGTに変換した。

更にアエロモナス・キャピエの由来のPHA合成酵素DNA配列において、2箇所のKpnI部位を作成するために969番目のTをC、1449番目のTをCに変換した。これらの置換によって当該遺伝子のアミノ酸配列は変更されない。このようにしてPHA合成酵素遺伝子(ORF2)(配列番号1)と(R)体特異的エノイルCoAヒドラーゼ遺伝子(ORF3)(配列番号2)を設計した。

【0040】

(実施例2) 組換えプラスミドおよび組換え株の構築

前記ORF2、ORF3がキャンディダ・マルトーサで発現するように、それぞれの5'上流にキャンディダ・マルトーサのAlk1遺伝子のプロモーターALK1p(配列番号3)(GenBank D00481)を、3'下流にキャンディダ・マルトーサのAlk1遺伝子のターミネーターALK1tを連結することにした。プロモーターおよびターミネーターと構造遺伝子を連結するための制限酵素部位を作成するためには、PCR法を利用した。PCRに用いたプライマー配列を配列番号5から配列番号8に示す。PCRの条件は94℃ 1分、55℃ 2分、72℃ 3分を1サイクルとし、これを25回繰り返して、目的遺伝子断片を増幅した。ポリメラーゼは宝酒造(株)のExTaqを使用した。プロモーター部分は配列番号3を鋳型にして配列番号5と配列番号6を用いて、5'末端がSalI、3'末端がNdeIのALK1pを作製した。ターミネーター部分は配列番号4を鋳型にして配列番号7と配列番号8を用いて、5'末端がHindIII、3'末端がEcoRVのALK1tを作製した。最終的にORF2とORF3を連結するベクターにはpUC19にキャンディダ・マルトーサの自己複製領域(ARS)(GenBank D29758)およびURA3遺伝子(GenBank D12720)を連結したpUTU(M. Ohkuma, et al, J. Biol. Chem., vol. 273, 3948-3953(1998))とキャンディダ・マルトーサのADE1遺伝子(配列番号9)(Genebank D00855)(S. Kawai, et al, Agric. Biol. Chem., vol. 55, 59-65(1991))を用いて、マーカー遺伝子をウラシルからアデニンに変更したベクターであるpUT

A1 (図1) を構築し使用した。

pUCNT (WO94/03613に記載) のPvuII、NdeIサイトにALK1tを結合し、またpUCNTのHindIII、SspIサイトにALK1tを結合してpUAL1 (図2) を構築した。次にpUAL1のNdeI、PstIサイトにORF2を結合し、プラスミドpUAL-ORF2 (図3) を構築した。また、pUAL1を構築する途中に構築するpUCNT-ALK1tのNdeI、HindIIIサイトにORF3を結合し、さらにALK1pを結合することで、pUAL-ORF3 (図4) を構築した。

【0041】

つぎに、プラスミドpUAL-ORF2からEcoT22Iを用いて、ORF2とともに上流にあるプロモーター、下流にあるターミネーターを一緒に切り出し、pUTA1のPstIサイトに結合し、pUTA-ORF2を構築した。さらに、pUAL-ORF3からSalIを用いてORF3とともに上流にあるプロモーター、下流にあるターミネーターを一緒に切り出し、pUTA-ORF2のSalIサイトに結合したプラスミドpUTA-ORF23 (図5) を構築した。以上の方法により、酵母キャンディダ・マルトーサにおいて上記一般式(化1)で示される3-ヒドロキシアルカン酸を共重合してなるポリエステルを製造するための遺伝子発現カセットを構築した。全体の構築図を(図6)に示した。宿主にはキャンディダ・マルトーサCHA1株(S. Kawai, et al, Agric. Biol. Chem., vol. 55, 59-65 (1991))を使用した。宿主に構築したプラスミドを導入するために、Fast TrackTM-Yeast Transformation KitSM (Geno Technology)を使用した。プロトコルにしたがって操作し、選択プレート(0.67w/v% Yeast Nitrogen base without amino acid、2w/v% グルコース、24mg/L ヒスチジン、2w/v% 寒天)を使用して組換え株を取得した。

【0042】

(実施例3) プラスミドpUTA1, pUTA-ORF23株を有するキャンディダ・マルトーサ組換え株を次のように培養した。前培地はYNB培地(0.

67w/v%Yeast Nitrogen base without amino acid) に1w/v%カザミノ酸、2w/v%パーム油添加した培地を使用した。ポリエステル生産培地はYNB培地に1w/v%カザミノ酸を添加し、炭素源として①2w/v%パーム油、②2w/v%ヤシ油、③2w/v%テトラデカン、④2w/v%ヘキサデカンを添加した培地を使用した。

【0043】

各組換え株のグリセロールストック100 μ lを50mlの前培地が入った500ml坂口フラスコに接種して20時間培養し、500mLの生産培地を入れた2L坂口フラスコに10v/v%接種した。これを培養温度30℃、振盪速度120rpm、培養時間は72時間という条件で培養した。培養液をオートクレーブ後、遠心分離によって菌体を回収し、メタノールで洗浄した後、凍結乾燥して乾燥菌体重量を測定した。

得られた乾燥菌体を粉碎し、クロロホルムを100ml添加し一晚攪拌して抽出した。濾過して菌体を除去し、ろ液をエバポレーターで1-2mlにまで濃縮し、濃縮液に10mlのヘキサンを添加して、ヘキサン不溶物を析出させた。その結果、プラスミドpUTA-ORF23を導入した組換え株をヤシ油で培養したものに白色沈殿が見られた(表1)。ヤシ油で培養したときに得られたヘキサン不溶物のNMR分析(JEOL、JNM-EX400)の結果を図7に示す。

【0044】

【表 1】

表1 組換え株培養結果	炭素源	菌体量(g/L)	ポリマーの蓄積
	パーム油	12.5	-
	ヤシ油	10.3	+
	テトラデカノ	4.4	++
	ヘキサデカノ	3.6	++

この結果から、酵母を用いて共重合ポリエステル P (3HB-co-3HH) が生産できることがわかった。

【0045】

【発明の効果】

本発明により、生分解性かつ優れた物性を有する上記一般式 (1) で示される 3-ヒドロキシアリカン酸を共重合してなる共重合ポリエステルを、酵母を用いて生産することが可能となった。

【0046】

【配列表】

<110>鐘淵化学工業株式会社 KANEKA CORPORATION

<120>ポリエステル合成に関与する酵素遺伝子

<130>TKS-4370

<160>9

<210> 1

<211> 1782

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<221> CDS

<222> 1..1782

<400> 1

atg tct caa cca tct tat ggt cca ttg ttc gaa gct ttg gct cat tac 48
aat gat aaa ttg ttg gct atg gct aaa gct caa acc gaa aga act gct 96
caa gcc ttg ttg caa act aac ttg gat gat ttg ggt caa gtt ttg gaa 144
caa ggt tct caa caa cca tgg caa ttg att caa gct caa atg aat tgg 192
tgg caa gat caa tta aaa ttg atg caa cac act ttg tta aaa tct gct 240
ggg caa cca tct gaa cca gtt att act cca gaa aga tct gat aga aga 288
ttt aaa gct gaa gct tgg tct gaa caa cca att tat gat tac tta aaa 336
caa tcc tat ttg tta act gct aga cat ttg ttg gct tct gtt gat gct 384
ttg gaa ggt gtc cca caa aaa tct aga gaa aga ttg aga ttc ttt act 432
aga caa tac gtc aac gct atg gct cca tct aat ttc ttg gct act aac 480
cca gaa ttg tta aaa ttg act ttg gaa tcc gat ggt caa aat ttg gtt 528
aga ggt ttg gct tta ttg gct gaa gat ttg gaa aga tct gct gat caa 576
tta aac att aga ttg act gat gaa tcc gct ttt gaa tta ggt aga gat 624
ttg gct ttg act cca ggt aga gtt gtt caa aga act gaa tta tat gaa 672
tta att caa tac tct cca act act gaa acc gtt ggt aaa acc cca gtt 720
ttg atc gtt cca cca ttc att aat aaa tat tac att atg gat atg aga 768
cca caa aac tcc ttg gtc gct tgg ttg gtc gct caa ggt caa acc gtt 816
ttc atg att tcc tgg aga aac cca ggt gtt gct caa gct caa att gat 864
tta gat gat tat gtt gtt gat ggt gtc att gct gct ttg gat ggt gtt 912

gaa gcc gct act ggt gaa aga gaa gtt cac ggt att ggt tac tgt att 960
ggt ggt acc gct ttg tct tta gct atg ggt tgg ttg gcc gcc aga aga 1008
caa aaa caa aga gtt aga act gct act ttg ttt act act ttg ttg gat 1056
ttc tcc caa cca ggt gaa ttg ggt att ttt att cat gaa cca att atc 1104
gcc gcc tta gaa gcc caa aat gaa gct aaa ggt att atg gat ggt aga 1152
caa ttg gcc gtc tcc ttc tct ttg ttg aga gaa aac tct tta tat tgg 1200
aat tac tat att gat tct tac tta aaa ggt caa tct cca gtt gct ttt 1248
gat ttg ttg cac tgg aac tct gat tct act aat gtt gcc ggt aaa act 1296
cat aac tct ttg ttg aga aga tta tat ttg gaa aat caa ttg gtt aaa 1344
ggt gaa tta aaa att aga aac act aga att gat tta ggt aaa gtt aaa 1392
act cca gtt ttg ttg gtt tct gcc gtt gat gat cac att gct tta tgg 1440
caa ggt acc tgg caa ggt atg aaa ttg ttc ggt ggt gaa caa aga ttt 1488
tta ttg gcc gaa tcc ggt cat att gct ggt att att aat cca cca gct 1536
gct aac aaa tac ggt ttc tgg cac aat ggt gct gaa gct gaa tct cca 1584
gaa tct tgg ttg gct ggt gcc acc cat caa ggt ggt tcc tgg tgg cca 1632
gaa atg atg ggt ttt att caa aac aga gat gaa ggt tct gaa cca gtc 1680
cca gcc aga gtc cca gaa gaa ggt ttg gct cca gct cca ggt cac tat 1728
gtc aaa gtt aga tta aac cca gtt ttc gct tgt cca acc gaa gaa gat 1776
gct gct taa 1785

<210>2

<211>405

<212>DNA

<213>Artificial Sequence

<220>

<221>CDS

<222>1..405

<400>2

atg tct gct caa tcc ttg gaa gtt ggt caa aaa gct aga tta tct aaa 48
 aga ttc ggt gcc gcc gaa gtt gct gct ttt gct gcc tta tct gaa gat 96
 ttc aac cca ttg cac ttg gat cca gct ttt gct gct act acc gcc ttc 144
 gaa aga cca atc gtc cat ggt atg ttg tta gct tct tta ttt tcc ggt 192
 ttg ttg ggt caa caa ttg cca ggt aaa ggt tct att tat ttg ggt caa 240
 tct tta tct ttc aaa ttg cca gtc ttt gtc ggt gat gaa gtt acc gct 288
 gaa gtt gaa gtt act gct ttg aga gaa gat aaa cca att gct act ttg 336
 act act aga att ttc act caa ggt ggt gct tta gct gtt acc ggt gaa 384
 gct gtt gtc aaa ttg cca taa 405

<210>3

<211>1017

<212>DNA

<213>Candida maltosa

<220>

<223>promoter ALK1p

<400>3

atgcatgaac aggatttaat cccaagaaaa aagtctatatt tctattttca caaggaaact 60
 ggaaaaacct ttttgtgttt tgaagtagct ccgtaataac ctgtaaaaaa ataaattttg 120
 aagatttgac ttgctgatga aaatgctatc agttagctc tagacttgat actagactat 180
 gatggcaaca catggtggtc aacgtgcaag acatcaccca atgagaagac tgctaaccag 240
 aaaaaaaagg ggacaaaaga aaaactcgag agaaaaagtc aaattgggtgt aaaattggct 300
 atttttggta ctttcctaatt ggggaaatta attgtttaaa attccagttt ttccagagtt 360
 aagatttcga ccaattattt ttaatccata tgatcttcat cattatcaac ttgtgaaaaa 420
 taataatcga ggtacgttta atacgagata ttagtctacg gctatgaatg ttggatatac 480

ttcattgacg atcagaagct tgattgggta ttcagggtgca tgtgtggata taaacccaac 540
 aaattatcta gcaactgtgc cttccccaca ttgggtcaaag aaaccctaaa gcaaattaaa 600
 atctggataa ataaatcatt catttcacat tttccgggta gtataagggt ttttaaattt 660
 ttttttacag tttagccctt tcaattacca aatacggtaa caatgtgctt tgtaacatgc 720
 aggggatitit ctccgttgct gttttctcca catgctttta atgtgtaata aattaaaaaa 780
 attacaaaga aaaaccggca tataagcatc ggagtttaca ttgttaacta actgcaaaat 840
 ggcgatgttt caaatcaaca aaatttaaaa aaaccccaaa aaaaaagtat catataaatt 900
 aaactcaaaa tccttttgat tgcataaaat ttttaaattt cttctttttt ttctttttta 960
 ctttcttate tattctattc tttttttata tatctaattc atttataaca tctgggc 1017

<210>4

<211>218

<212>DNA

<213>Candida maltosa

<220>

<223>terminater ALK1t

<400>4

atagatggat ttttcttttt tatgtgtatt tccgggttaat aaatgtttta attttttttt 60
 taataaaaaat attttagtatt atttatatgc aaaaaaaaaa aatattcaaa gcaatcttcc 120
 tttcttttctt tatctttccc ccatgctaag gtctaaaaca ccacaactta aaacccaact 180
 taaccgtata atactaagat caatctccaa agatgcat 218

<210>5

<211>46

<212>DNA

<213>Artificial Sequence

<220>

<223>primer

<400>5

tttttcagct ggagctcgtc gacatgcatg aacaggattt aatccc

46

<210>6

<211>39

<212>DNA

<213>Artificial Sequence

<220>

<223>primer

<400>6

ccggaattcc atatgcagat gttataaatg aattagata

39

<210>7

<211>32

<212>DNA

<213>Artificial Sequence

<220>

<223>primer

<400>7

cggaagctta tagatggatt tttctttttt at

32

<210>8

<211>45

<212>DNA

<213>Artificial Sequence

<220>

<223>primer

<400>8

tttttgatatac gagctcgtcg acatgcatct ttggagattg atctt

45

<210>9

<211>1820

<212>DNA

<213>Candida maltosa

<220>

<221>CDS

<222>538..1413

<223>Ade1

<400>9

gatcccttc ttcaaactt taaatgacat tgtttcgttt ctctatgttt ggtatcggtt 60
cttcttcttc ttcaaaaaa agggggggcac tattcaaaaa aaaatattat aacagtatga 120
tttttttccc tctcccgtag attgaggttt tttttttctc ttctgtcttg gtcttttgct 180
tttcaactcca aaaatggaaa cacgcgcggc tcaactcgaa atccgtgac aaaaaataa 240
aggctgtgag ttctgagcca ataattatga attagtggta ttttttttaa agataataa 300

tcaagaatcg cattagggag acgaatatgc gttattcaaa taaaaagaca attcttttag 360
 ggtagcattt cccittcaagt tcatcccaca tgtacattaa tgtcaatgat gtcgcagaag 420
 tttaaattagc agaagaaaaa aaaaatgtga attactccga gtcaactctt ctttctcttc 480
 ttctttttct tctttatcac cataatcacc accaccacca ccaccaccag ctcccagatg 540
 acttcaacta acttagaagg aactttccca ttgattgcc aaggtaaagt cagagatatt 600
 taccaagttg acgacaacac tcttttattc gttgctactg atagaatttc cgcatacgat 660
 gtgattatgt ctaatggat cccaaataaa ggtaaaatct taaccaaatt gtctgaattc 720
 tggtttgatt tcttgccaat tgaaaacat ttaatcaaag gagacatttt ccaaaaatat 780
 cctcaactag aaccatatag aaaccaattg gaaggcagat ccttacttgt tagaaaattg 840
 aaattgatcc ctcttgaagt tattgttaga gggtacatca ccggttccgg ctggaaagaa 900
 taccaaaaat ctaaaaccgt ccacgggtatt cctattgggtg atgtgggtga atcacaacaa 960
 atcactccta tcttccccc atccactaaa gcagaacaag gtgaacatga tgaaaatatc 1020
 accaaagaac aagctgacaa gattgttgga aaagaattat gtgatagaat tgaaaaaatt 1080
 gctattgatt tgtacaccaa agccagagat tacgctgcc ctaaaggaat tattatcgct 1140
 gatactaaat ttgaatttgg tttagatggg gacaacatcg ttcttgttga cgaagtttta 1200
 actccagatt ctccagatt ctggaatgct gctaaatacg aagttggtaa atctcaagac 1260
 tcttacgata aacaattttt gagagattgg ttaacttcta atggtgttgc tggtaaagat 1320
 ggtgttgcta tgcctgaaga cattgtcact gaaaccaaga gcaaatacgt tgaagcttac 1380
 gaaaatttaa ctggtgacaa atggcaagaa taaattaagg atatctatta ttaaagcttt 1440
 ctatttatcc caaactttcg tagtattttc tgacatgttc agatgttttt actttatctt 1500
 tcctgaaatt tttgatttct aaccgactct tgcattgtgc tcttgataat gcaacatag 1560
 cttgaccatt agcaaaactt ctacctaact ctattttgac tctgtccaaa gtttgacctt 1620
 gagctttgtg gatcgacatc gccacgaca agatcatttg gtttgttttt atggtgggtt 1680
 attggcactt ggtgcaactg atggtttaac tttggaagag gctaagaaat tgaagacttg 1740
 gaatgaagaa cgtgcatctg atttcaaatt ggtgaagaa ttgacttata cttgttataa 1800
 aatgtatcat gatgttgatc 1820

【図面の簡単な説明】

【図 1】 実施例においてベクターとして使用したプラスミド p U T A 1 を示す

模式図である。

【図 2】 実施例において構築したプラスミド p U A L 1 を示す模式図である。

【図 3】 実施例において構築したプラスミド p U A L - O R F 2 を示す模式図である。

【図 4】 実施例において構築したプラスミド p U A L - O R F 3 を示す模式図である。

【図 5】 実施例において構築したプラスミド p U T A - O R F 2 3 を示す模式図である。

【図 6】 本発明の形質転換体を作成する際に用いられるプラスミドの構築方法を示したプラスミド構築図である。

【図 7】 実施例において製造されたポリエステルの N M R 分析チャートである。

【書類名】 図面

【図1】

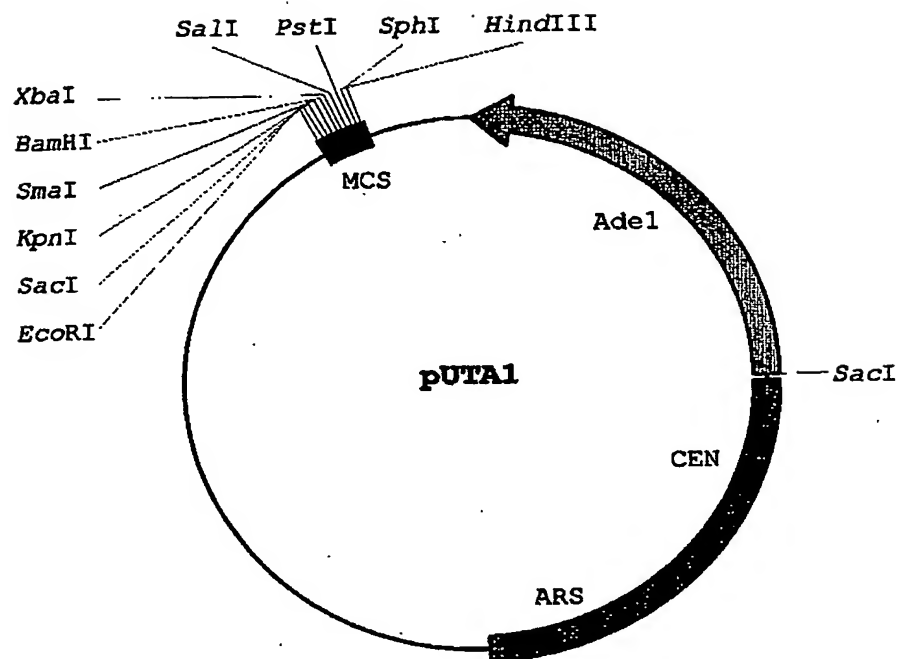


図1 pUTA1

【図2】

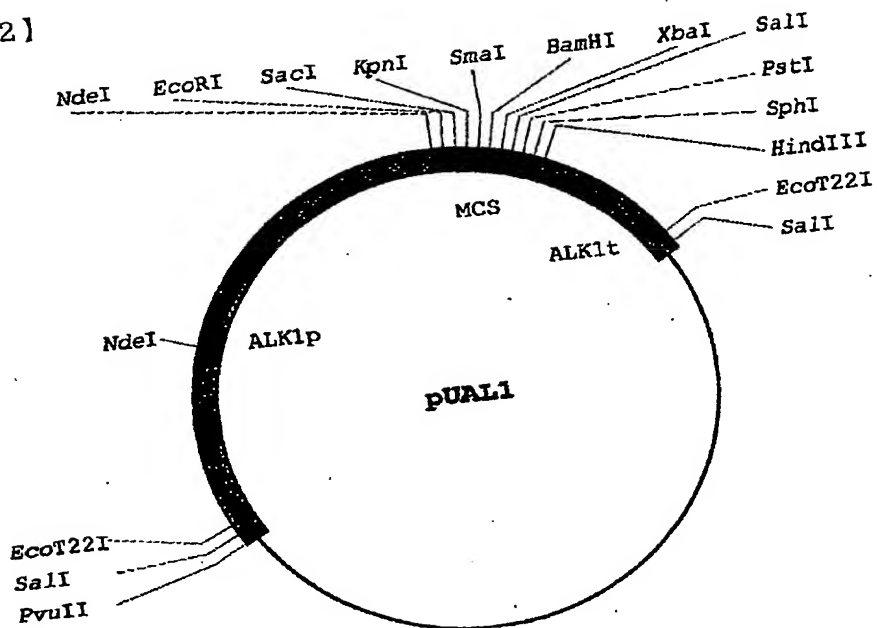


図2 pUAL1

【図 3】

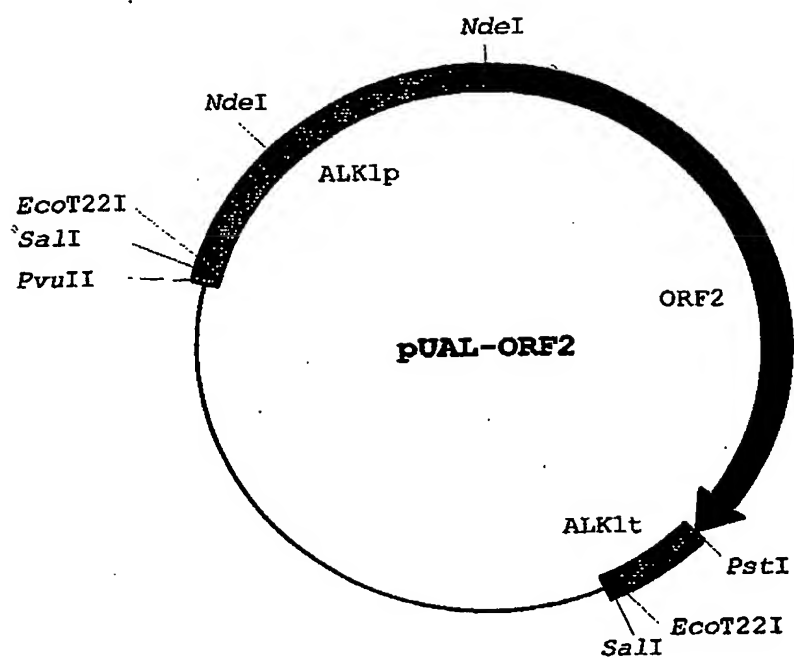


図3 pUAL-ORF2

【図 4】

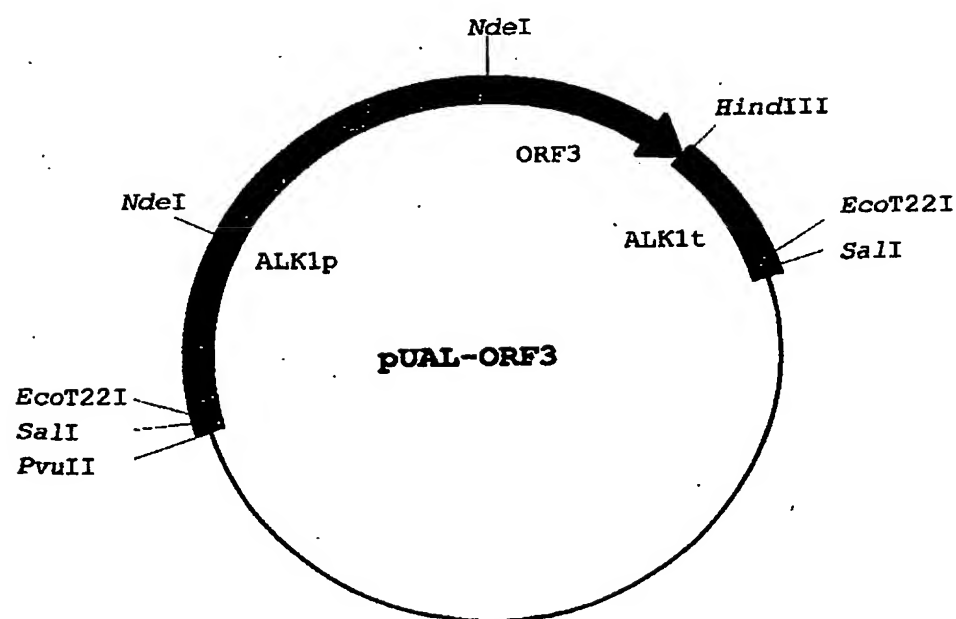


図 4 pUAL-ORF3

【図 5】

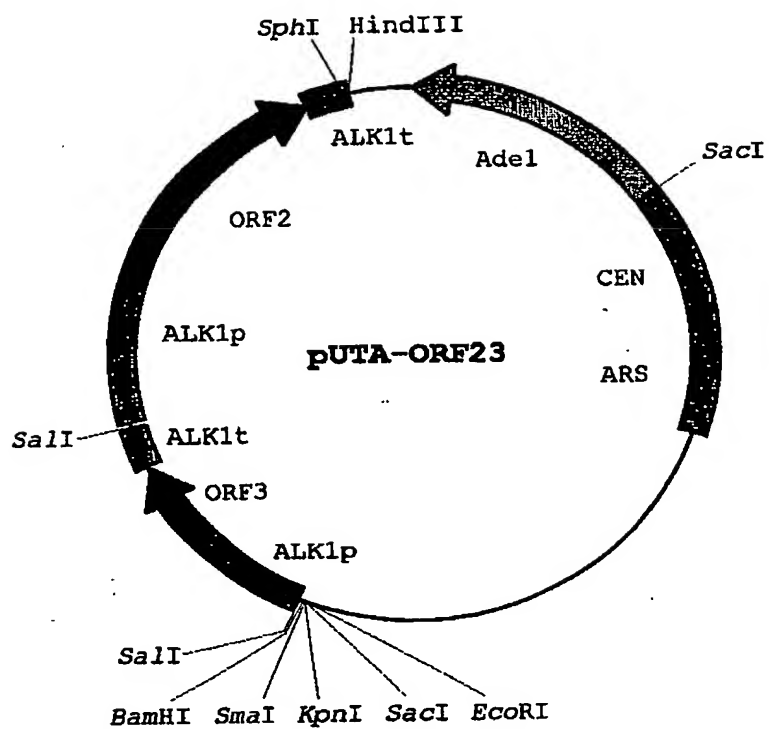


図5 pUTA-ORF23

【图 6】

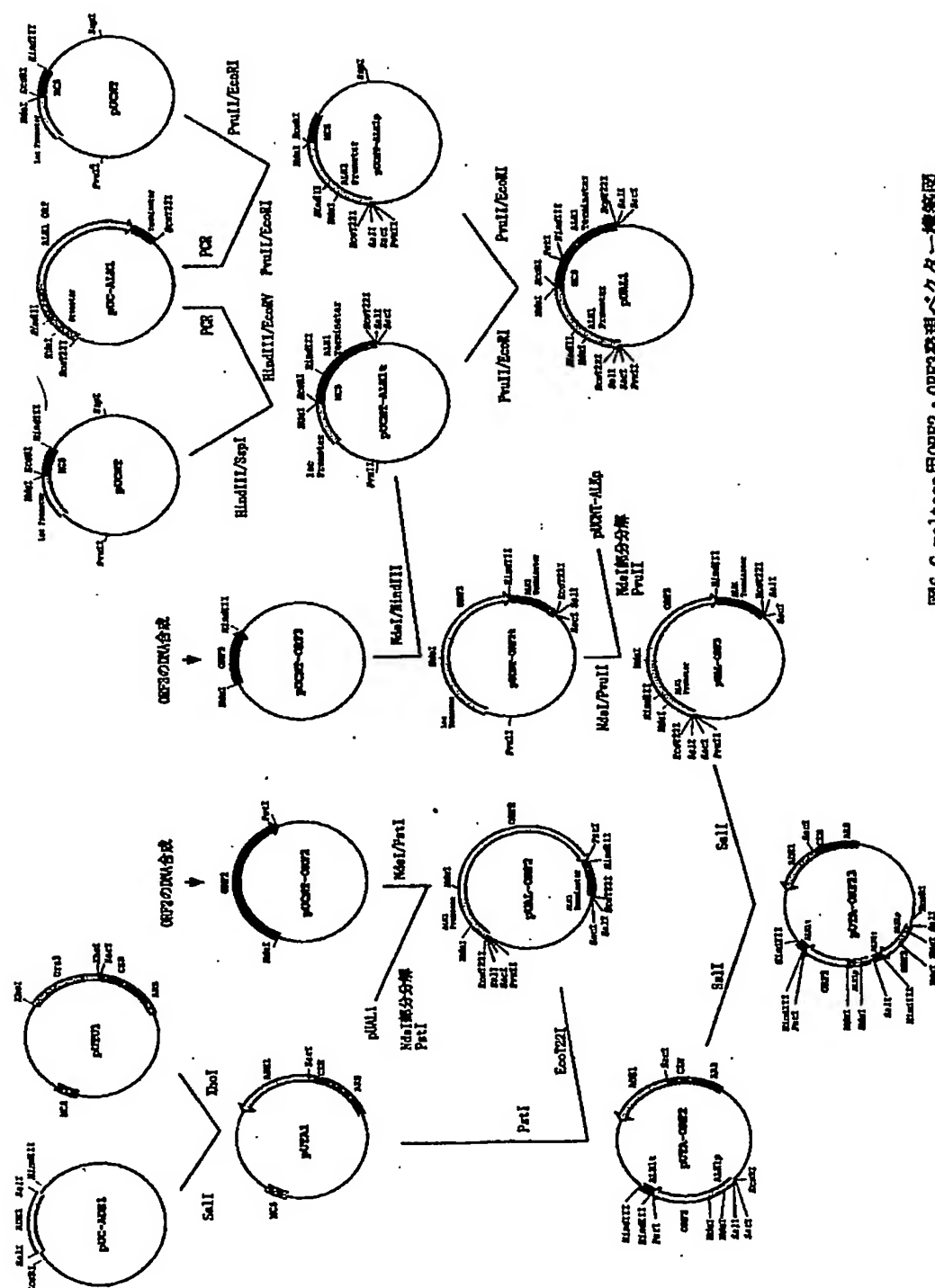


図6 C. malitosa用ORF2・ORF3発現ベクター構築図

【図 7】

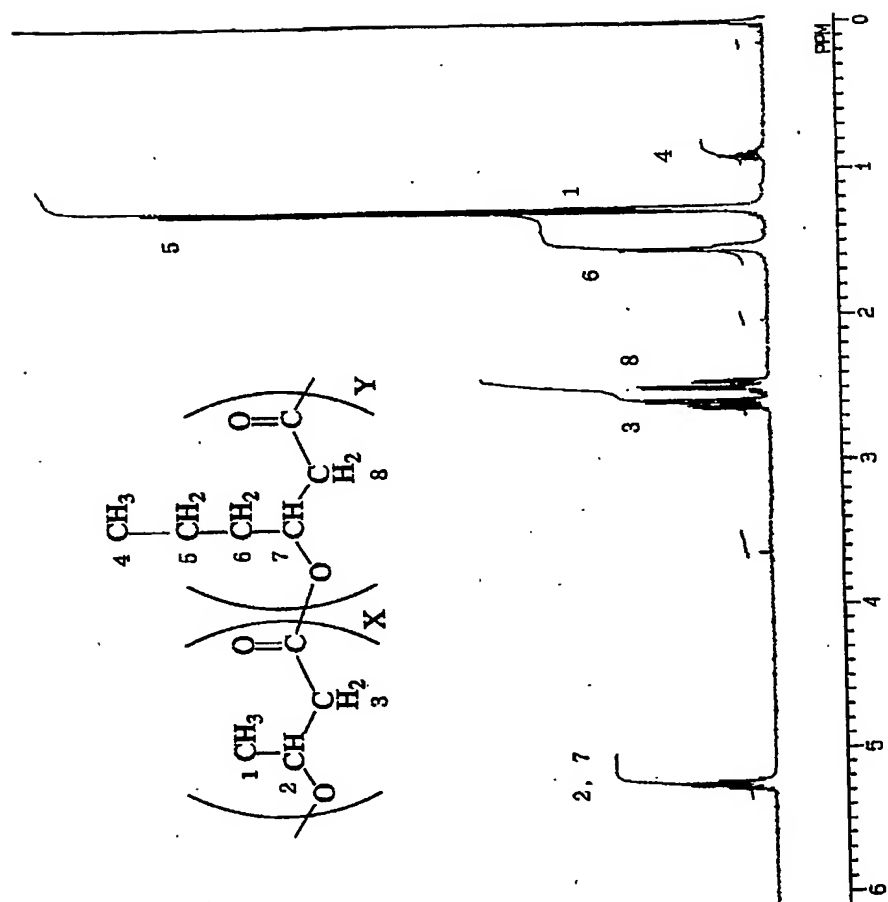


図 7 NMR 分析結果

【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 本発明は、酵母で機能的かつ効率よく発現できるポリエステル合成に関与する遺伝子、即ち P (3 H B - c o - 3 H H) 等のポリエステル合成に関与する遺伝子を提供すること。

【解決手段】 宿主の遺伝暗号使用頻度に応じてポリエステル合成に関与する 1 種以上の酵素遺伝子を合成し、当該酵素遺伝子発現カセットを酵母に導入し、得られた形質転換株を培養することにより、(化 1) で示される 3 - ヒドロキシアルカン酸を共重合してなる共重合ポリエステルを菌体内に蓄積させ、その培養物からポリマーを採取する。

【選択図】 なし

特 2001-016929

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[000000941]

1. 変更新月日

1990年 8月27日

[変更理由]

新規登録

住 所

大阪府大阪市北区中之島3丁目2番4号

氏 名

鐘淵化学工業株式会社

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ **BLACK BORDERS**
- ☐ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- ☐ **FADED TEXT OR DRAWING**
- ☐ **BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- ☐ **SKEWED/SLANTED IMAGES**
- ☐ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- ☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**
- ☐ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- ☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- ☐ **OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.